

## EXHIBIT C

ClustalW (v1.4) multiple sequence alignment

1. huLGR8-A vs. huLGR8-D

Aligned Length = 754    Gaps = 1  
Identities = 357 (47%)    Similarities = 1 (0%)

```

huLGR8-A   1 MIVFLVFKHLFSLRLITMFFLLHFIVLINVKDFALTQGSMTTPSCQKGYF   50
huLGR8-D   1 MIVFLVFKHLFSLRLITMFFLLHFIVLINVKDFALTQGSMTTPSCQKGYF   50
*****

huLGR8-A   51 PCGNLTKCLPRAFHCDGKDDCGNGADEENCGDTSGWATIFGTVHGNANSV  100
huLGR8-D   51 PCGNLTKCLPRAFHCDGKDDCGNGADEENCGDTSGWATIFGTVHGNANSV  100
*****

huLGR8-A  101 ALTQECFLKQYPQCCCKETELECVDLKSVPISMNNVTLLSLKKNKIH  150
huLGR8-D  101 ALTQECFLKQYPQCCCKETELECVDLKSVPISMNNVTLLSLKKNKIH  150
*****

huLGR8-A  151 SLPDKVFIKYTKLKKIFLQHNCIRHISRKAFFGLCNLQILYLNHNCITTL  200
huLGR8-D  151 SLPDKVFIKYTKLKKIFLQHNCIRHISRKAFFGLCNLQILYLNHNCITTL  200
*****

huLGR8-A  201 RPGIFKDLHQLTWLILDDNPITRISQRLFTGLNSLFFLSMVNNYLEALPK  250
huLGR8-D  201 RPGIFKDLHQLTWLILDDNPITRISQRLFTGLNSLFFLSMVNNYLEALPK  250
*****

huLGR8-A  251 QMCAQMPQLNWVDLEGNRIKYLTNSTFLSCDSLTVLFLPRNQIGFVPEKT  300
huLGR8-D  251 QMCAQMPQLNWVDLEGNRIKYLTNSTFLSCDSLTVLDL-----  288
***** *

huLGR8-A  301 FSSLKNLGELDLSSNTITELSPHLFKDLKLLQKLNLSNPLMYLHKNQFE  350
huLGR8-D  289 -----SSNTITELSPHLFKDLKLLQKLNLSNPLMYLHKNQFE  326
*****

huLGR8-A  351 SLKQLQSLDLERIEIPNINTRMFQPMKNLSHIYFKNFRYCSYAPHVRICM  400
huLGR8-D  327 SLKQLQSLDLERIEIPNINTRMFQPMKNLSHIVQYYDVPT          366
*****

huLGR8-A  401 PLTDGISSFEDLLANNILRIFVWVIAFITCFGNLFVIGMRSFIKAENTTH  450
huLGR8-D  367                                         366

huLGR8-A  451 AMSIKILCCADCLMGVYLFFVGIFDIKYRGQYQKYALLWMESVQCRLMGF  500
huLGR8-D  367                                         366

huLGR8-A  501 LAMLSTEVSVLLLTLYLTLEKFLVIVFPFSNIRPGKRQTSVILICIWMAGF  550
huLGR8-D  367                                         366

huLGR8-A  551 LIAVIPFWNKDYFGNFYKGNGVCFPYYDQTEDIGSKGYSLGIFLGVNLL  600
huLGR8-D  367                                         366

```

huLGR8-A 601 AFLIIVFSYITMFCSIQKTALQTTEVRNCFGREVAVANRFFFIVFSDAIC 650  
huLGR8-D 367 366

huLGR8-A 651 WIPVFVVKILSLFRVEIPDTMTSWIVIFFLPVNSALNPILYTLTTNFFKD 700  
huLGR8-D 367 366

huLGR8-A 701 KLKQLLHKHQKRSIFKIKKKSLSTSIVWIEDSSSLKLGVLNKITLGDSIM 750  
huLGR8-D 367 366

huLGR8-A 751 KPVS 754  
huLGR8-D 367 366